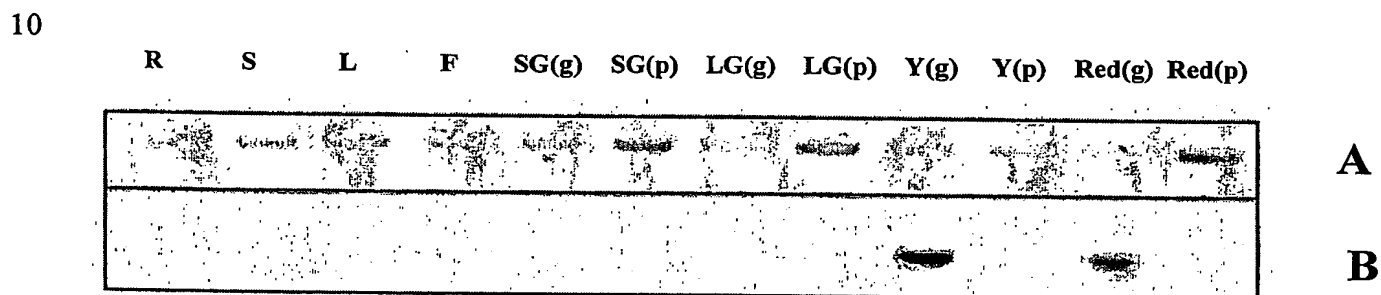


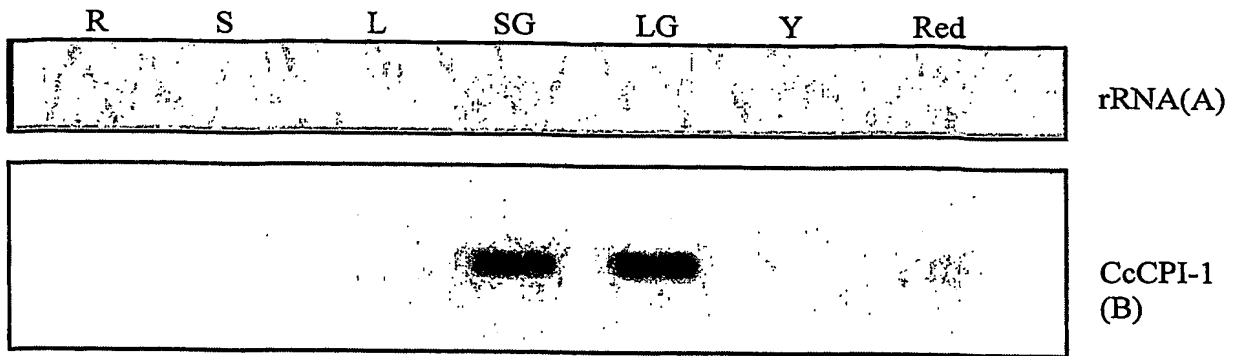
5 **Figure 1:** Northern blot analysis of the expression of the cysteine proteinase (CcCP1) gene in different tissues of *Coffea arabica*.



10
15 **Figure 2:** Northern blot analysis of the expression of the Cysteine proteinase CcCP-1 gene in different tissues of *Coffea arabica*.



5 Figure 2A: Alignment of the full sequence of the protein encoded by CcCP-1 cDNA with other full-length cysteine proteinases available in the NCBI database.



5 **Figure 3:** Northern blot analysis of the expression of the cysteine proteinase inhibitor (CcCPI-1) gene in different tissues of *Coffea arabica*.

10

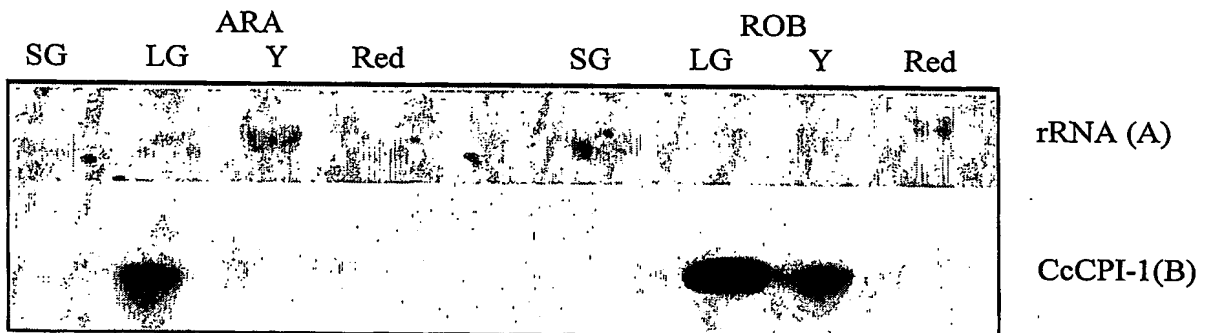


Figure 4: Northern blot analysis of the expression of the cysteine proteinase inhibitor gene (CcCPI-1) at different cherry development stages for *Coffea arabica* (ARA) and *Coffea canephora* (ROB).

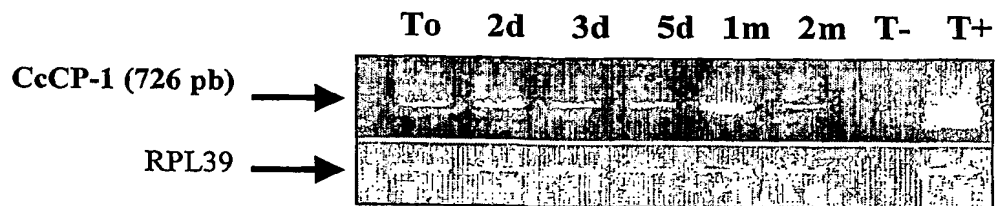


Figure 5. RT-PCR analysis of the expression of *CcCP-1* during *Coffea arabica* grain germination.

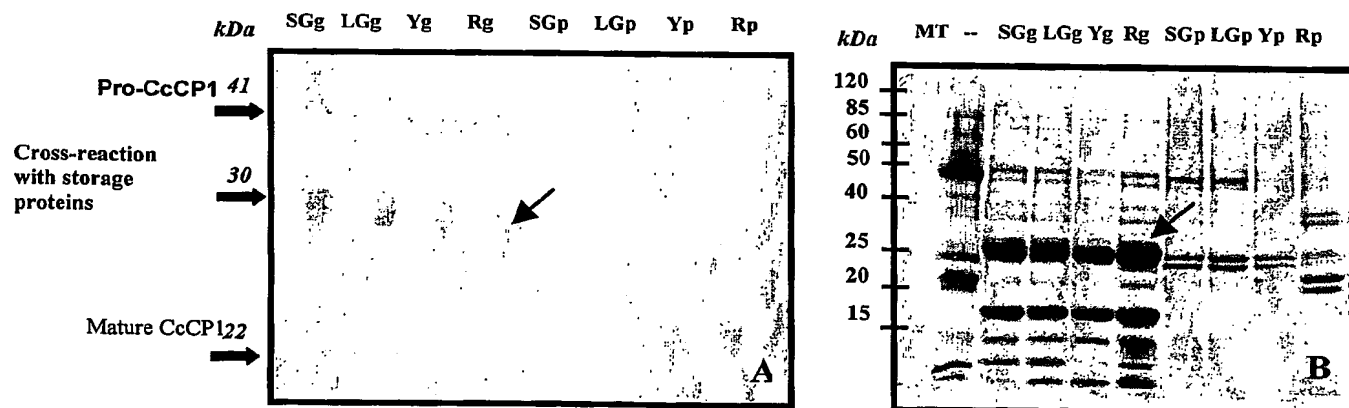
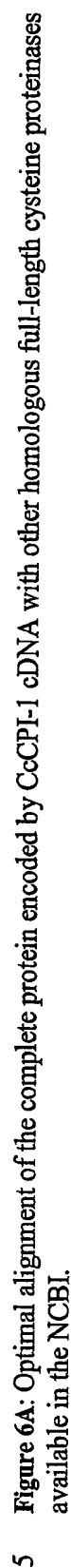


Figure 6: Western-blot analysis of the expression of *CcCP1* protein (A).



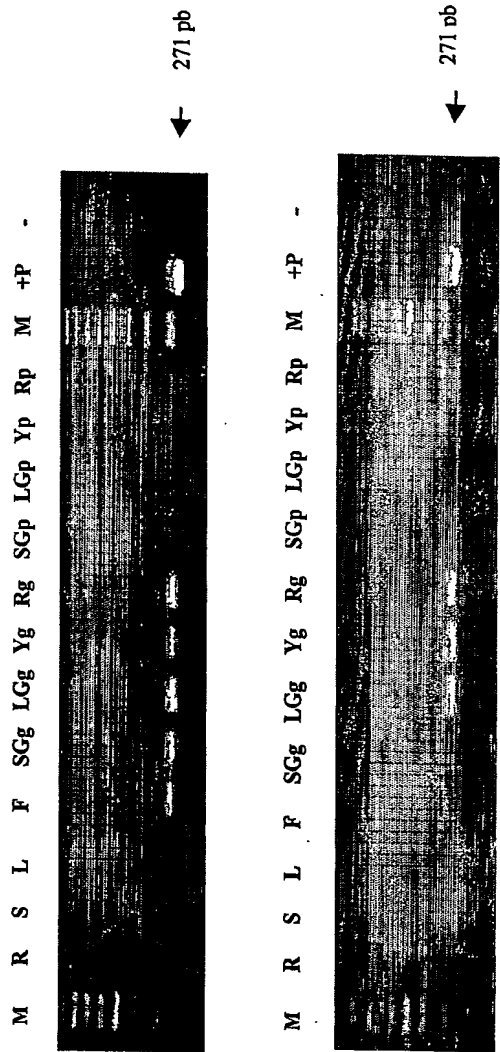


Figure 7: RT-PCR analysis of the expression of CcCPL-1 gene in different tissues of Coffea arabica CCA2 (A) and Coffea robusta FRT-32 (B).

1	M	A	K	V	G	G	I	S	E	S	K	G	N	-	E	N	S	L	E	I	E	B	S	L	A	K	F	A	V	D	D	Y	N	K	K	Q	N	A	L	L	E	CcCPI-2
1	M	A	T	I	G	G	I	K	Q	V	E	G	S	-	A	N	S	L	E	V	E	B	S	L	A	K	F	A	V	E	D	H	N	K	K	Q	N	A	M	L	E	R. obtusifolius
1	M	A	T	V	G	G	I	K	D	S	G	G	S	S	A	N	S	L	E	I	D	E	L	A	K	F	A	V	D	H	Y	N	S	K	E	N	A	L	L	E	D. caryophyllus	
1	M	A	T	L	G	G	I	K	E	V	E	E	S	-	A	N	S	V	E	I	D	N	L	A	R	F	A	V	D	D	Y	N	K	K	Q	N	A	L	L	E	M. esculenta	
40	F	Q	K	V	I	N	S	K	E	Q	V	V	A	G	T	V	Y	Y	L	T	I	E	V	K	D	G	N	E	K	K	L	Y	E	A	K	V	W	V	K	P	CcCPI-2	
40	F	S	K	V	V	N	T	K	E	Q	V	V	A	G	T	M	Y	Y	I	T	L	E	A	T	D	G	G	K	K	K	V	Y	E	A	K	V	W	V	K	P	R. obtusifolius	
41	F	Q	R	V	V	N	T	K	E	Q	V	V	A	G	T	I	Y	Y	I	T	L	E	A	T	D	G	G	V	K	K	L	Y	E	A	K	V	W	V	K	P	D. caryophyllus	
40	F	K	R	V	V	S	T	K	Q	Q	V	V	A	G	T	M	Y	Y	I	T	L	E	V	A	D	G	G	Q	T	K	V	Y	E	A	K	V	W	E	K	P	M. esculenta	
80	W	L	N	F	K	E	V	Q	E	F	K	P	A	A	G	D	T	S	A	.																					CcCPI-2	
80	W	M	N	F	K	Q	V	Q	E	F	K	L	L	G	D	Q	G	S	T	S																					R. obtusifolius	
81	W	V	N	F	K	E	V	Q	D	F	K	Y	V	G	D	A	S	A																						D. caryophyllus		
80	W	L	N	F	K	E	V	Q	E	F	K	P	I	G	V	A	P	S	D	S	T	A																		M. esculenta		

Figure 8: Optimal alignment of the complete protein encoded by CcCPI-2 cDNA with other homologous full-length cysteine proteinases available in the NCBI.

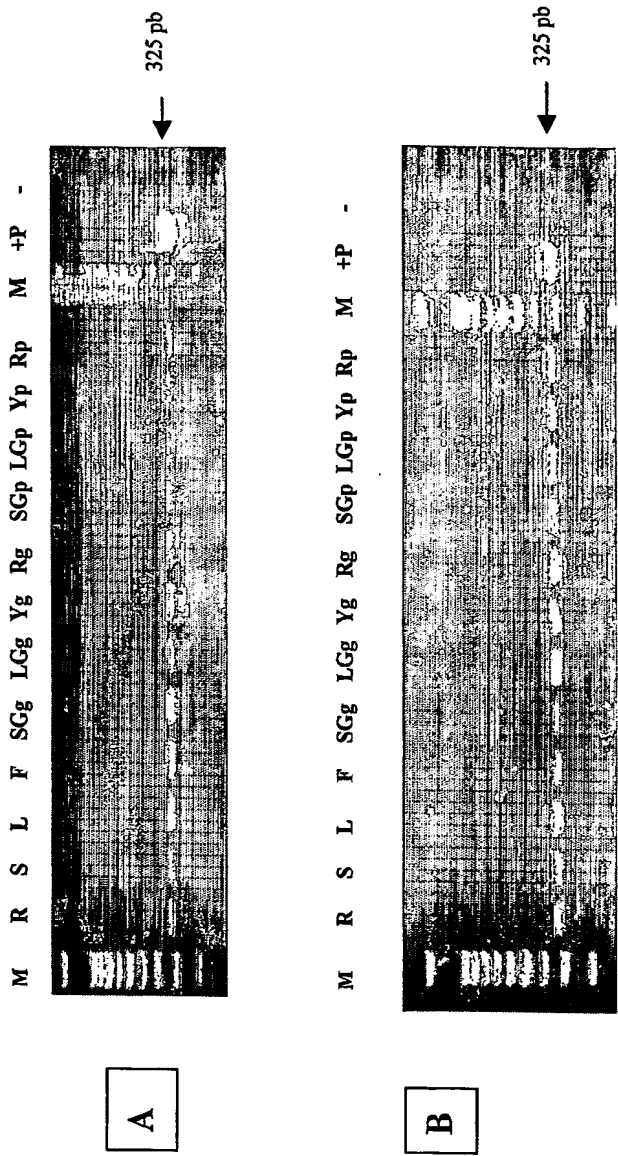


Figure 9: RT-PCR analysis of the expression of CcCPL-2 gene in different tissues of *Coffea arabica* CCA2 (A) and *Coffea robusta* FRT-32 (B).

1	M	A	S	A	F	P	H	L	L	L	L	T	T	L	A	A	I	C	L	F	S	D	V	P	S	A	A	L	G	G	R	P	K	D	A	L	V	G	G	W	CcCPI-3
1	M	N	Q	R	F	C	C	L	I	V	L	-	-	-	-	-	-	-	F	L	S	V	V	P	L	L	A	A	G	D	R	-	K	G	A	L	V	G	G	W	Citrus x paradisi
1	M	V	P	K	P	L	S	L	L	L	F	-	-	-	-	-	-	-	L	L	L	A	L	S	A	A	V	V	G	G	R	-	K	L	V	A	A	G	G	W	A. deliciosa
1	M	T	S	K	V	V	F	L	L	L	L	-	-	-	-	-	-	-	S	L	-	V	V	L	L	L	P	L	Y	A	S	-	A	A	A	R	V	G	G	W	A. thaliana
41	S	-	K	A	D	P	K	D	P	E	V	L	E	N	G	K	F	A	I	D	E	H	N	K	E	A	G	T	K	L	E	F	K	T	V	V	E	A	Q	K	CcCPI-3
33	K	P	I	E	D	P	K	E	K	H	V	M	E	I	G	Q	F	A	V	T	E	Y	N	K	Q	S	K	S	A	L	K	F	E	S	V	E	K	G	E	T	Citrus x paradisi
33	R	P	I	E	S	L	N	S	A	E	V	Q	D	V	A	Q	F	A	V	S	E	H	N	K	Q	A	N	D	E	L	Q	Y	Q	S	V	V	R	G	Y	T	A. deliciosa
32	S	P	I	S	N	V	T	D	P	Q	V	V	E	I	G	E	F	A	V	S	E	Y	N	K	R	S	E	S	G	L	K	F	E	T	V	V	S	G	E	T	A. thaliana
80	Q	V	V	A	G	T	N	Y	K	I	V	I	K	A	L	D	G	T	-	A	S	N	L	Y	E	A	I	V	W	V	K	P	W	L	K	F	K	K	L	T	CcCPI-3
73	Q	V	V	S	G	T	N	Y	R	L	I	L	V	V	K	D	G	P	-	S	T	K	K	F	E	A	V	V	W	E	K	P	W	E	H	F	K	S	L	T	Citrus x paradisi
73	Q	V	V	A	G	T	N	Y	R	L	V	I	A	A	K	D	G	A	-	V	V	G	N	Y	E	A	V	V	W	D	K	P	W	M	H	F	R	N	L	T	A. deliciosa
72	Q	V	V	S	G	T	N	Y	R	L	K	V	A	A	N	D	G	D	G	V	S	K	N	Y	L	A	I	V	W	D	K	P	W	M	K	F	R	N	L	T	A. thaliana
119	S	F	R	K	L	P	.																																	CcCPI-3	
112	S	F	K	P	M	V	K																																	Citrus x paradisi	
112	S	F	R	K	V																																			A. deliciosa	
112	S	F	E	P	A	N	N	G	R	F	L																													A. thaliana	

Figure 10: Optimal alignment of the complete protein encoded by CcCPI-3 cDNA with other homologous full-length cysteine proteinases available in the NCBI.

1	M	A	T	V	A	A	K	S	A	T	A	A	I	G	A	G	Q	K	N	M	V	G	G	L	S	S	T	V	N	P	K	D	P	E	V	I	Q	CcCPI-4								
1	M	N	Q	R	F	C	C	L	I	V	I	F	L	S	V	V	P	L	L	A	A	G	D	R	K	G	A	L	V	D	P	K	E	K	E	V	M	E	Citrus x paradis							
1	M	T	S	K	V	V	F	L	L	L	L	S	L	-	V	V	L	L	P	L	Y	A	S	A	A	A	R	S	N	V	T	D	P	Q	V	V	E	A. thaliana								
46	I	A	Q	F	A	V	A	N	Y	N	A	K	A	G	T	T	V	V	W	L	N	V	E	Y	G	F	W	I	D	D	T	Y	Y	M	L	A	I	K	T	Q	D	L	T	CcCPI-4		
46	I	G	Q	F	A	V	T	E	Y	N	K	Q	S	K	S	A	L	K	F	E	S	V	E	K	G	E	T	Q	V	V	S	G	T	N	Y	R	L	I	L	V	V	K	D	G	P	Citrus x paradis
45	I	G	E	F	A	V	S	E	Y	N	K	R	S	E	S	G	L	K	F	E	T	V	V	S	G	E	T	Q	V	V	S	G	T	N	Y	R	L	K	V	A	A	N	D	G	D	A. thaliana
91	-	G	H	C	D	V	A	L	V	R	E	I	S	E	S	N	G	T	Y	S	L	K	W	Y	N	H	N	N	K	.													CcCPI-4			
91	-	S	K	K	F	E	A	V	V	W	E	K	P	W	E	H	-	F	K	S	L	T	S	F	K	P	M	V	K														Citrus x paradis			
90	G	V	S	K	N	Y	L	A	I	V	W	D	K	P	W	M	K	-	F	R	N	L	S	F	E	P	A	N	G	R	F	L											A. thaliana			

5

Figure 11: Optimal alignment of the complete protein encoded by CcCPI-4 cDNA with other homologous full-length cysteine proteinases available in the NCBI.

10

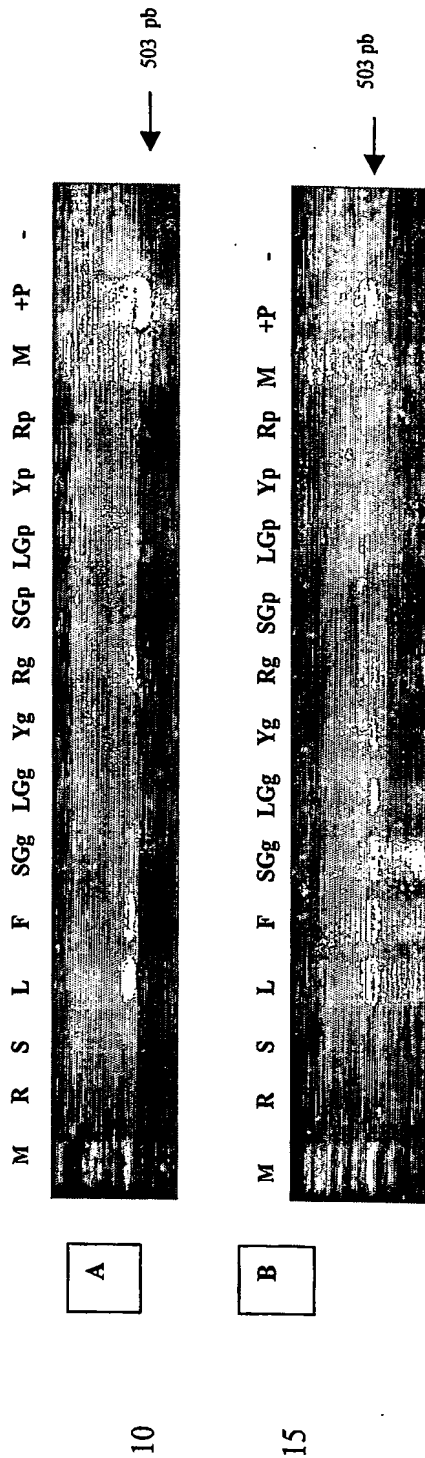


Figure 12: RT-PCR analysis of the expression of CcCPI-4 gene in different tissues of *Coffea arabica* CCA2 (Panel A) and of *Coffea robusta* FRT-32 (Panel B)

12/21

ARABICA

R S L F SG (G) SG (F) LG (G) LG (P) Y (G) Y (P) Red (G) Red (P)

rRNA (A)



CcAP-2 (B)



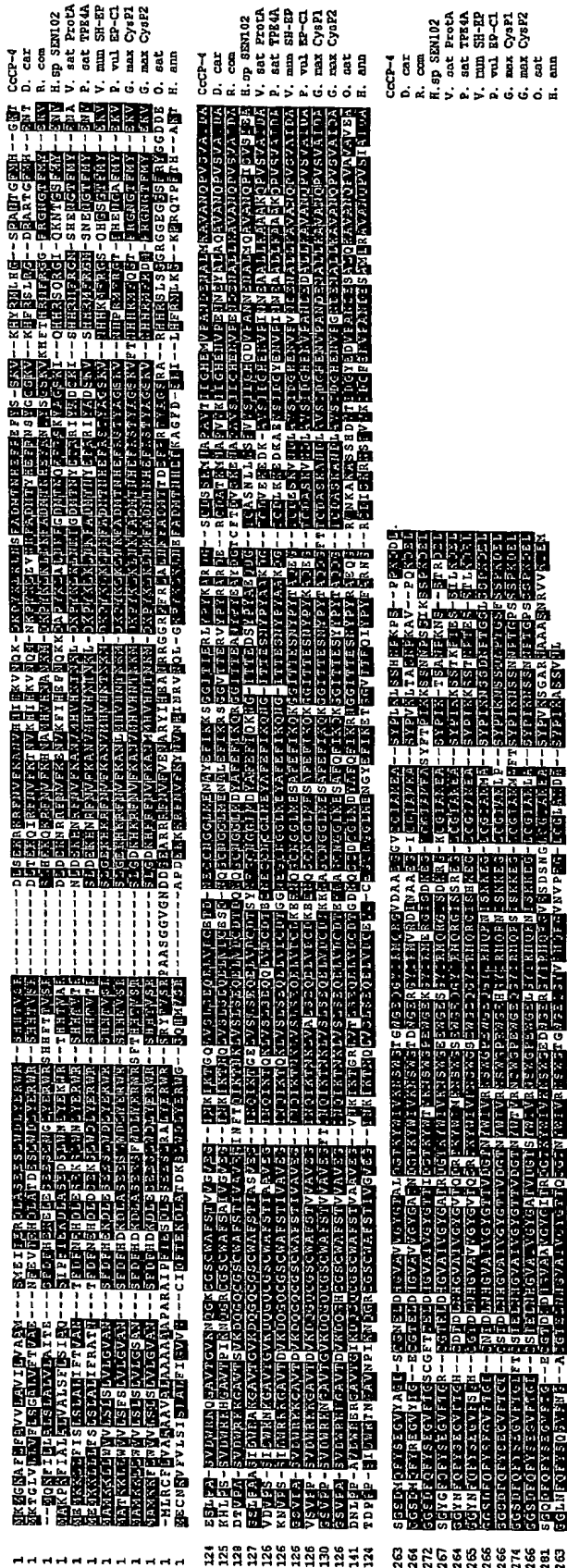
Figure 13: Northern blot analysis of the expression of the aspartic proteinase 2 (CcAP2) gene in different tissues of *Coffea arabica*.

```

1 gcttacatcttaaatcctgatttttatagattcgcccttcgtgaagttcaatcttcgcagtcgctcactaacatttggt
81 agacatacttcgatt ATG AAA ATG GGG AAG GCT TTC CTT TTT GCC GTT GTA TTG GCT GTG ATC
1 M K M G K A F L F A V V L A V I
144 TTA GTG GCG GCT ATG AGC ATG GAG ATC ACA GAA AGA GAT TTG GCT TCT GAG GAA AGC TTG
17 L V A A M S M E I T E R D L A S E E S L
204 TGG GAC TTG TAC GAA AGA TGG AGG AGC CAT CAT ACT GTT TCT CGA GAC CTT TCT GAG AAA
37 W D L Y E R W R S H H T V S R D L S E K
264 CGA AAG CGC TTT AAT GTT TTC AAG GCA AAT GTC CAT CAC ATT CAC AAG GTG AAC CAG AAG
57 R K R F N V F K A N V H H I H K V N Q K
324 GAC AAG CCT TAC AAG CTG AAA CTC AAC AGT TTC GCT GAT ATG ACC AAC CAC GAG TTC AGG
77 D K P Y K L K L N S F A D M T N H E F R
384 GAA TTC TAC AGT TCT AAG GTG AAA CAT TAC CGG ATG CTC CAC GGC AGT CGT GCT AAT ACT
97 E F Y S S K V K H Y R M L H G S R A N T
444 GGA TTT ATG CAT GGG AAG ACT GAA AGT TTG CCA GCC TCC GTT GAT TGG AGA AAG CAA GGA
117 G F M H G K T E S L P A S V D W R K Q G
504 GCC GTG ACT GGC GTC AAG AAT CAA GGC AAA TGT GGT AGC TGT TGG GCA TTT TCA ACT GTG
137 A V T G V K N Q G K C G S C W A F S T V
564 GTT GGA GTC GAG GGA ATC AAC AAA ATC AAA ACA GGC CAA TTA GTT TCT CTG TCC GAG CAA
157 V G V E G I N K I K T G Q L V S L S E Q
624 GAA CTT GTT GAC TGT GAA ACG GAC AAT GAA GGA TGC AAC GGA GGA CTC ATG GAA AAT GCA
177 E L V D C E T D N E G C N G G L M E N A
684 TAC GAG TTT ATT AAG AAA AGT GGG GGA ATA ACA ACT GAG AGG CTA TAT CCC TAC AAG GCA
197 Y E F I K K S G G I T T E R L Y P Y K A
744 AGA GAT GGC AGC TGT GAT TCG TCA AAG ATG AAT GCC CCT GCT GTG ACT ATT GAT GGG CAT
217 R D G S C D S S K M N A P A V T I D G H
804 GAA ATG GTA CCC GCA AAC GAT GAG AAT GCC TTG ATG AAA GCT GTT GCT AAC CAG CCT GTA
237 E M V P A N D E N A L M K A V A N Q F V
864 TCA GTA GCT ATA GAT GCG TCT GGC TCT GAC ATG CAA TTT TAT TCA GAG GGT GTA TAC GCT
257 S V A I D A S G S D M Q F Y S E G V Y A
924 GGA GAC TCG TGT GGC AAT GAG CTT GAT CAT GGC GTG GCG GTC GTC GGC TAC GGG ACT GCT
277 G D S C G N E L D H G V A V V G Y G T A
984 CTT GAC GGT ACT AAA TAC TGG ATA GTG AAG AAC TCA TGG GGA ACA GGA TGG GGA GAA CAG
297 L D G T K Y W I V K N S W G T G W G E Q
1044 GGC TAT ATC AGG ATG CAA CGT GGT GTT GAT GCT GCT GAA GGC GGA GTT TGT GGG ATA GCA
317 G Y I R M Q R G V D A A E G G V C G I A
1104 ATG GAG GCC TCC TAT CCA CTT AAA TTG TCC TCC CAC AAT CCA AAA CCA TCC CCA CCT AAG
337 M E A S Y P L K L S S H N P K P S P K
1164 GAC GAC CTC TAG attgatcctcttatatatatacatatatatatatttcagtagattcattgaatttttagttac
357 D D L *
1240 agactacgcgttcTGaagacttagatcatctctagggcatagatttatgtaatcctgctcctgtgatggtttgaataaac
1320 aataagtagtactaataaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa

```

Figure 14: cDNA sequence and its deduced amino acid sequence of CcCP-4. Lowercase: 5' and 3' non-translated regions; Uppercase: Open reading frame; Bold character: amino acid sequence; *: stop codon



Decoration 'Decoration #1': Shade (with solid black) residues that match KDDL -CCCP4 exactly. □

Figure 16. The full length cDNA sequence CcCP-4 KDDL and the partial cDNA sequence CcCP-4 (KDEL).

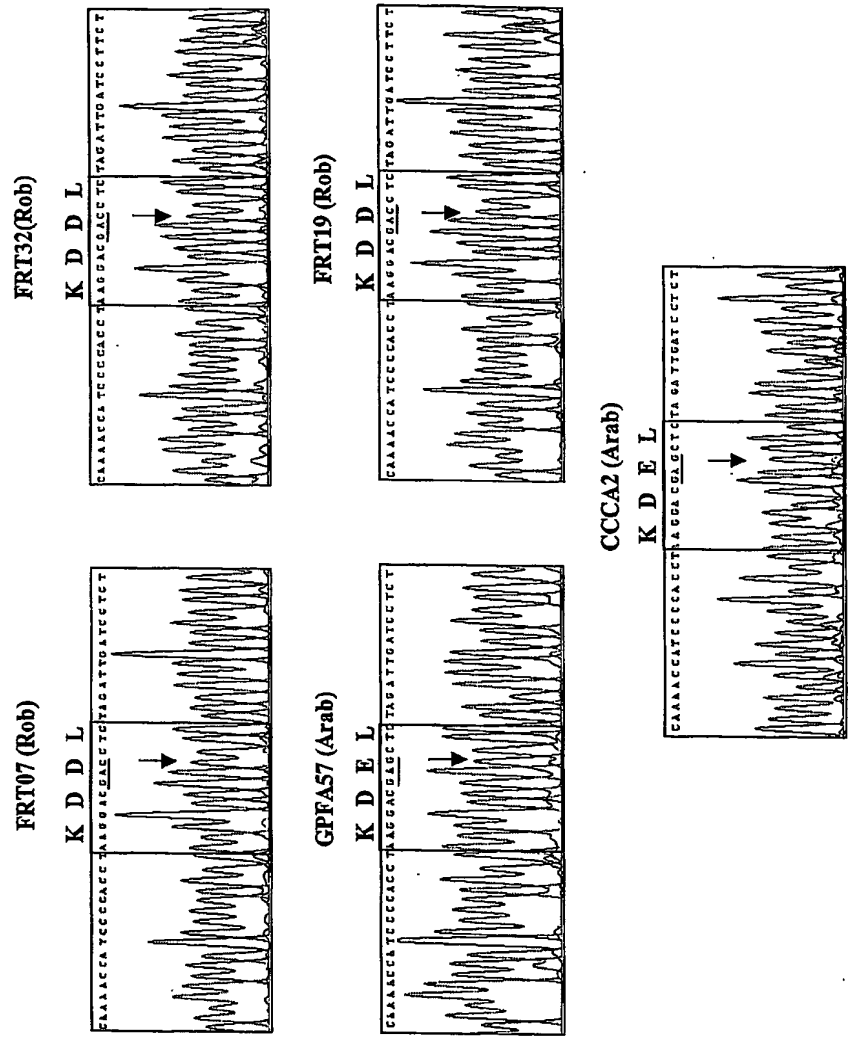
5

1	K	M	G	K	A	F	L	F	A	V	V	L	A	V	I	L	V	A	A	M	S	M	E	I	T	E	R	D	L	A	S	E	S	L	W	D	L	Y	E	P	R	S	H	H	T	V	S	P	D	L	S	E	K	R	K	R	F	N	V	F	K	A	N	V	H	H	I	H	K	V	N	Q	K	D	K	P	Y																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																														
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

Decoration 'Decoration #1': Shade (with solid black) residues that match CcCP-4 KDDL exactly.□

Figure 17. The complete open reading frame of CcCP-4 (KDDL) and the partial open reading frame of CcCP-4 (KDEL).

10



5 Figure 18. DNA sequence chromatograms for PCR amplified genomic DNA encoding the KDEL/KDDDL region of the CcCP-4 gene.

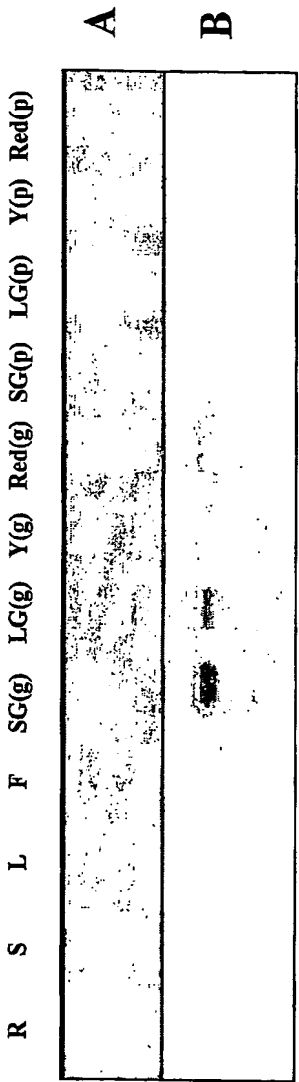


Figure 19. Northern blot analysis of the expression of the Cysteine proteinase CcCP-4 gene in different tissues of *Coffea arabica*.

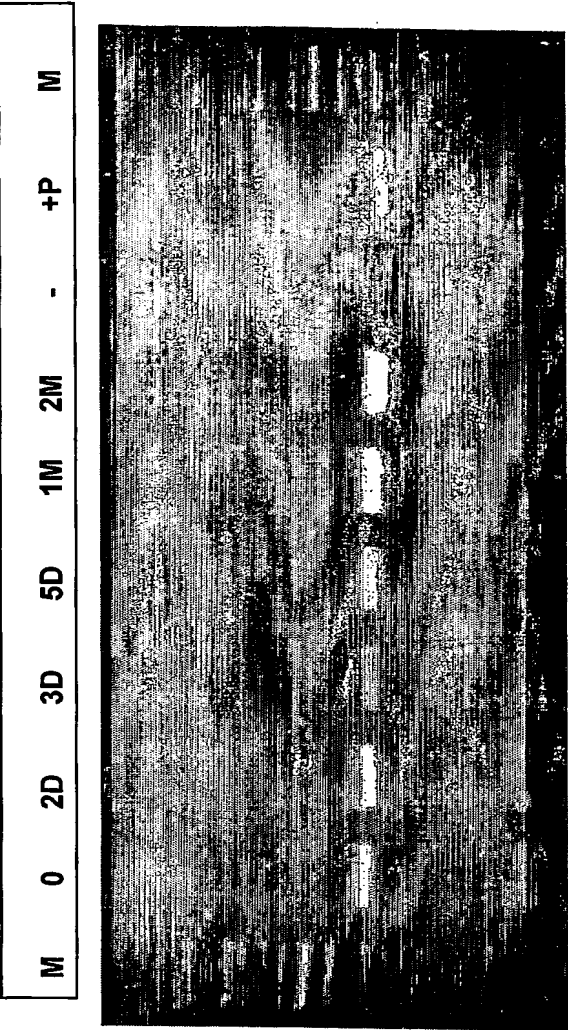


Figure 20. RT-PCR analysis of the expression of CcCP-4 in the whole grain during germination.

[illegible]

20/21

5

10

Figure 21: Optimal alignment of the complete protein encoded by CcAP-1 cDNA with other homologous full-length aspartic proteinase sequences available in the NCBI.

1 MERRY LWA FVLGA IIVCS LFPLPSEGG -- LKKEISLKKK KPLD IQSIRAAKLA HLES THGA GRKEM - DNNL CcAP2
 1 HQKH LVTV FCLWAL TCS LFPS FSG -- ILRK IGLKKRPLDL DSIN AARKA REGLSVRPMMGA HDQFI G.max
 1 HGRKY LCNALFLLMAV VCTALPAAYS DNN LRVGLKKRPLDL ESIRAKA GARLGGYGGKGVN -- KKL I. batatas
 1 MDKHL CAALLLEA IACSAIPASSGD -- LFLGLGKKHRLDVSIRAKA AVAKLODRYGRH VNGI - EKKSL. esculen
 1 HCHRN LNVIFCFCA LISCFFSTGADG -- LVRI GLKKRQFSDS NSIRAVRIA RKAGMN - QGLKRF - QYSFN. alata N

 66 GSSN - EDILPLKKNYLDAQYVGEIGIGT EPQKE TVLFDTCSSNLWVFSKAKCYFSIA CWLHSHKYYKA KKSIS CcAP2
 67 GDSKG EDIVLPLKKNYLDAQYVGEIGIGT EPQKE TVLFDTCSSNLWVFSKAKCYFSIA CWLHSHKYYKA KKSIS G.max
 65 GDSJD - EGVLS LNNYLDAQYVGEIGIGT SFGS QDDVQLGDL LVKQVFIET TREPSLTFELIAKFFDGLIGLGFQESISV I. batatas
 66 S DSD - IYKVP LKNYLDAQYVGEIGIGT SFGS QDDVQLGDL LVKQVFIET TREPSLTFELIAKFFDGLIGLGFQESISV L. esculen
 65 G DSD - T DILVY LKNYLDAQYVGEIGIGT SFGS QDDVQLGDL LVKQVFIET TREPSLTFELIAKFFDGLIGLGFQESISV N. alata N

 133 TYIAIGKSCSIRYGS GSISGS QDNVEVSGDLVVRKQVFIETL SREGSLTFELIAKFFDGLIGLGFQESISV CcAP2
 135 THVANGTSCKIN YGTGSLIS GEFSSQDNV KVSAGVVRKQVFIETL SREGSLTFELIAKFFDGLIGLGFQESISV G.max
 132 TYTQIGKSCSIRYGS GSISGS QDNV KVSAGVVRKQVFIETL SREGSLTFELIAKFFDGLIGLGFQESISV I. batatas
 133 TYTRDGESCSIRYGTGSLIS GEFSSQDNV KVSAGVVRKQVFIETL SREGSLTFELIAKFFDGLIGLGFQESISV L. esculen
 132 TYT KIGKSCFIDYGS GSISGS QDNV KVSAGVVRKQVFIETL SREGSLTFELIAKFFDGLIGLGFQESISV N. alata N

 201 DNVVAVYRMV DQGLVDQVFS FVLNRDPNAE DSGELVFGGVDTNHFKGKHTYVPTQKGYWQFKMGD CcAP2
 203 ENAVPVVVEKMEQKLESEKVFSEMLNGDIPNAKKGELVFGGVDTNHFKGKHTYVPTQKGYWQFKMGD G.max
 200 ERVAVPVVYDMV EQGLVDQVFS FVLNRDPNAE DSGELVFGGVDTNHFKGKHTYVPTQKGYWQFKMGD I. batatas
 201 GNTTPVAVYRMV GQGLVKEPVSEFVRDANAKEGGELVFGGVDTNHFKGKHTYVPTQKGYWQFKMGD L. esculen
 200 GDVAVPVVYRMV EQGLVSEKVFSEFVRDANAKEGGELVFGGVDTNHFKGKHTYVPTQKGYWQFKMGD N. alata N

 269 FLIGNVSTGCEGGCAALVDSGTSLLAGFTCVVTQINHAIGAEIGVVSIT ECKEIVSQYGE LIPDLHVSG CcAP2
 271 FLVGVSTGCEGGCAALVDSGTSLLAGFTCVVTQINHAIGAEIGVVSIT ECKEIVSQYGE LIPDLHVSG G.max
 268 FLIGNVSTGCEGGCAALVDSGTSLLAGFTCVVTQINHAIGAEIGVVSIT ECKEIVSQYGE LIPDLHVSG I. batatas
 269 FLIGNVSTGCEGGCAALVDSGTSLLAGFTCVVTQINHAIGAEIGVVSIT ECKEIVSQYGE LIPDLHVSG L. esculen
 268 FLIGNVSTGCEGGCAALVDSGTSLLAGFTCVVTQINHAIGAEIGVVSIT ECKEIVSQYGE LIPDLHVSG N. alata N

 337 VLPDRVCKOAGLCPLRGAQHENAYLN SVVDEENKEEASVGESEFMCTACEHAAVVMQNLKQOQSTKEKV CcAP2
 339 VKPDVICSQVGLCSKRRHQSKSAGIEMVTEKEEQ - EELAAARDTPLSCSCQMLVLIRIQNLKQKATKDRV G.max
 336 LRADQVCEGLGLCFLNGAWHES SIKTVEKEEA - EGNLTNPLCTCEHAAVVMQNLKQKATKDRV I. batatas
 337 IRPDQVCSQAGLCFLDSSQVVS SNIRTVVERET - EGSSVGEAPLCTACEHAAVVMQNLKQOQSTKEKV L. esculen
 336 VQPUKILCSQALCCFN - DAQFLS IGIKTVIERENRKNSSVAEDFLCTACENAVVMQNLKQOQSTKEKV N. alata N

 405 LA VVNQLCESIPSPNAGES IIDCNLSLSTLENVVSFTIG GKSEFETLKEVYVLR TGEIGFAEVCI SGEIMPM DLY CcAP2
 406 FNVNQLCESIPSPNAGES IIDCNLSLSTLENVVSFTIG GKSEFETLKEVYVLR TGEIGFAEVCI SGEIMPM DLY G.max
 402 FXYVDQLCEKLPSEFDGEISVIDCNLSLSTLENVVSFTIG GKSEFETLKEVYVLR TGEIGFAEVCI SGEIMPM DLY I. batatas
 404 LEYVNQLCEKLPSEFDGEISVIDCNLSLSTLENVVSFTIG GKSEFETLKEVYVLR TGEIGFAEVCI SGEIMPM DLY L. esculen
 403 LNYINELCDSLPSPNAGESVIDCDSIPYKFNVTFTIG EKPFKLTPEQVYVLR TGEIGFAEVCI SGEIMPM DLY N. alata N

 473 PFERGFIMVLGDVFMGVYHTVFDYGNLRMGFAFAA
 474 PFPKGFIMVLGDVFMGVYHTVFDYGNLRMGFAFAA
 470 PFPKGFIMVLGDVFMGVYHTVFDYGNLRMGFAFAA
 472 PFERGFIMVLGDVFMGVYHTVFDYGNLRMGFAFAA
 471 PFPKGFIMVLGDVFMGVYHTVFDYGNLRMGFAFAA

Figure 22: Optimal alignment of the complete protein encoded by CcAP-2 cDNA with other homologous full-length aspartic proteinase sequences available in the NCBI